

Segmentación y caracterización de volúmenes en imágenes médicas tridimensionales

José Ignacio Orlando, Hugo Luis Manterola
Director: Mariana del Fresno, José M. Massa

Facultad de Ciencias Exactas – UNCPBA
Concurso de Trabajos Estudiantiles 2012
Categoría: Procesamiento de Señales e Imágenes

Abstract. El presente trabajo fue realizado como proyecto final de cátedra de una materia optativa sobre Informática Médica que se dicta en el marco de una carrera de Informática. El mismo consiste en la implementación de un algoritmo para la segmentación de volúmenes en imágenes médicas de CT y MRI por crecimiento de regiones. El algoritmo considera un criterio de incorporación de vóxeles basado en la evaluación de su entorno respecto de la intensidad característica de un conjunto de vóxeles semilla seleccionados por el usuario experto. La aplicación fue desarrollada en Java, opera sobre imágenes almacenadas en archivos estándar DICOM y cuenta con una etapa adicional de extracción de características sobre los datos segmentados, en la que se obtienen medidas de volumen y superficie, además de indicadores de textura basados en estadísticas de segundo orden.

Keywords: imágenes médicas, segmentación, crecimiento de regiones, caracterización de regiones.

1 Introducción

La evolución de la tecnología de captura y procesamiento de imágenes durante los últimos años ha sido muy significativa y ha tenido un impacto muy alto en las más diversas áreas de aplicación, particularmente en medicina. Esto ha alentado la aparición de numerosos métodos para el procesamiento de modalidades, tanto en 2 como en 3 dimensiones, como: ecografías, tomografías computadas (CT), resonancias magnéticas (MRI), etc., tendientes a proveer herramientas para el soporte al diagnóstico que los profesionales de la salud brindan a sus pacientes.

Uno de los aspectos más importantes del desarrollo de aplicaciones de asistencia al diagnóstico por imágenes consiste en disponer de algoritmos que permitan la detección de objetos de interés dentro de las imágenes, ya sea para la identificación de estructuras patológicas (lesiones, tumores, etc.) como así también para la recuperación de estructuras anatómicas para su posterior medición, caracterización o reconstrucción. Entre los numerosos enfoques que existen para solucionar el problema de la segmentación se destacan los orientados a la detección de regiones homogéneas [PHA98], dado que constituyen una opción simple y a la vez poderosa, que permite

obtener buenos resultados a pesar de la presencia de ruido, distorsiones, variabilidad de intensidades, transiciones difusas entre objetos, etc. Por otro lado, los algoritmos de crecimiento de regiones (RG) no sólo han demostrado una gran capacidad a la hora de reconocer estructuras de interés, sino que pueden ser de utilidad para la inicialización de otros esquemas más complejos de segmentación, como en el caso de los modelos deformables [DEL09].

El presente trabajo se concentra en la implementación y posterior estudio de un algoritmo de crecimiento de regiones para la segmentación semiautomática de estructuras de interés en CT y MRI. La aplicación fue íntegramente desarrollada en Java, y opera sobre imágenes almacenadas en archivos estándar DICOM. Sobre el algoritmo se realizaron diferentes pruebas a fin de estudiar la sensibilidad del mismo respecto a los parámetros del criterio de aceptación de vóxeles. Se implementó además una etapa adicional de extracción de características sobre los volúmenes segmentados, en la que se obtienen medidas de volumen y superficie, además de indicadores de textura basados en estadísticas de segundo orden [HAR73].

El trabajo está organizado de la siguiente manera. En la sección 2 se introduce el esquema de trabajo de manera general, indicando las acciones que tienen lugar en cada una de las etapas de procesamiento. En la sección 3 se profundiza sobre las particularidades del algoritmo de segmentación por crecimiento de regiones. En la sección 4 se exhibe en detalle la etapa de caracterización de las estructuras segmentadas, haciendo hincapié en los diferentes tipos de indicadores obtenidos. En la sección 5 se indican los resultados a los que se arribó luego de las etapas anteriores y los futuros enfoques que van a abordarse. Finalmente, en la sección 6 se enumeran las conclusiones y los posibles trabajos futuros.

2 Esquema de trabajo

El esquema de trabajo que se desarrolló está constituido por tres etapas, en donde la salida de cada una constituye una entrada para la siguiente, mediante un esquema de *pipeline* (Fig. 1).

En la etapa inicial o de captura, se obtienen las imágenes médicas tridimensionales a partir de archivos DICOM (independientemente de la tecnología utilizada para su obtención). Los archivos DICOM (de extensión .dcm) constituyen el estándar reconocido mundialmente para el intercambio de imágenes médicas, ya sea a través de una red o mediante el traspaso mediante dispositivos de almacenamiento masivo o secundario [DICOM]. Para el caso de las imágenes tridimensionales, el estándar soporta archivos que contienen todos los cortes que las componen (*multiframe*) o la utilización de un archivo individual por cada uno de los cortes. La aplicación desarrollada permite recuperar las imágenes a partir de cualquiera de estos dos tipos de tecnologías. En la etapa de segmentación (sección 3) se aplica un algoritmo de crecimiento de regiones a partir de un conjunto de puntos iniciales seleccionados por el usuario para la recuperación de regiones de interés (ROIs) de la imagen original, a través de una interfaz gráfica. Finalmente, la salida de la segmentación es sometida a una etapa adicional de extracción de características (sección 4), en donde se obtienen indicado-

res sobre la ROI segmentada, tanto morfológicos (en particular, volumen y superficie) como relacionados con la textura de la región. Estos indicadores pueden ser utilizados en una posterior etapa de análisis de las características de las estructuras segmentadas. Así, por ejemplo, los primeros resultan de utilidad para la comparación de regiones segmentadas en series temporales a fin de evaluar cambios en el tamaño de las estructuras [FER11], mientras que los segundos permiten determinar las características de la textura de la imagen segmentada, algo que puede resultar útil para el análisis o desarrollo de nuevas estrategias de segmentación basadas en la discriminación de tejidos por textura.

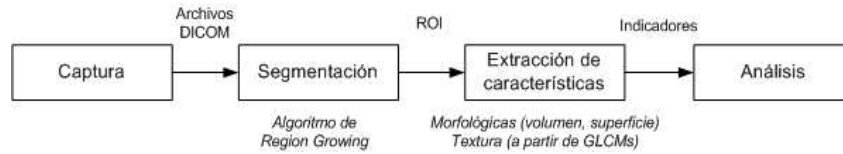


Fig.1. Etapas del esquema de procesamiento de imágenes.

3 Algoritmo de segmentación

Los métodos de segmentación basados en crecimiento de regiones intentan conectar vóxeles vecinos basándose en las similitudes entre ellos. El objetivo es construir regiones conectadas que correspondan a las estructuras de interés buscadas. El método es inicializado mediante la selección de uno o varios vóxeles por región – denominados semillas –, a partir de los cuales comienzan a incorporarse progresivamente los puntos vecinos que cumplen con un criterio de aceptación determinado. El proceso concluye cuando no existen vóxeles por agregar. Este esquema de segmentación garantiza que el objeto segmentado resulte conectado.

Más formalmente: sea S_i el conjunto de semillas seleccionadas dentro de la región de interés, las cuales se incorporan a la región R . Luego, la misma se construye visitando en cada paso los vóxeles de una lista L formada por los vecinos próximos a cada vóxel recientemente agregado a R . Para definir el criterio de incorporación de puntos a la región (conocido también como predicado de aceptación de vóxeles) se utiliza, en este caso, el conjunto $S_w(r)$, formado por las semillas de S_i y sus vecinos en un entorno de radio w . En base a dicho conjunto, se define el promedio de intensidades de la región, $PI(r)$, como:

$$PI(r) = \frac{1}{|S(r)|} \sum_{v \in S(r)} I(v) \quad (1)$$

donde v se corresponde con cada uno de los vóxeles del entorno $S(r)$ e $I(v)$ con su intensidad de gris en la imagen.

Para determinar si v será o no incluido en la región, se calcula el valor absoluto de la diferencia entre la intensidad promedio PI y la intensidad de cada uno de los vóxeles v' pertenecientes a $S_w(v)$ y se verifica que sea menor a un cierto nivel de tolerancia t :

$$d(v') = |I(v') - IP(v)| \leq t \quad (2)$$

Luego, si una determinada proporción P de los vóxeles en el entorno de v cumple con el predicado de aceptación correspondiente a la ecuación (2), el vóxel v es incorporado a la región. En caso contrario, el vóxel será incorporado a la frontera. El pseudocódigo completo del algoritmo se muestra en la Fig.2.

```

Calcular  $IP$  en base a las semillas
Incorporar las semillas a  $L$ 
Mientras  $L$  no esté vacía
  Tomar un vóxel  $v \in L$ 
  Agregar  $v$  a  $R$ 
  Por cada vecino  $v' \in S(v)$ 
    Si  $v'$  no fue visitado
      Marcar  $v'$  como visitado
      Si  $S_w(v')$  satisface el criterio
        Agregar  $v'$  a  $L$ 
      Sino
        Agregar  $v'$  a la frontera

```

Fig. 2. Pseudocódigo del algoritmo de crecimiento de regiones

En la Fig.3 se observa la evolución de un proceso de segmentación por RG en un tumor cerebral de una MRI. Con rojo se destacan los vóxeles correspondientes a la frontera, y en verde los vóxeles internos de la región segmentada. La elección de los vóxeles semilla o de la condición de incorporación de vóxeles del modelo puede afectar a la segmentación y dar como resultado volúmenes diferentes. En el contexto de este trabajo, se decidió no ubicar las semillas de manera automática debido al costo computacional que esta clase de enfoques pueden agregar a la aplicación. Por otro

lado, los métodos automáticos corren el riesgo de colocar las semillas en lugares inapropiados (como puntos ruidosos o próximos a bordes), lo que afectaría el comportamiento posterior del algoritmo de segmentación. La ubicación manual, por el contrario, es una tarea simple y rápida que requiere una mínima asistencia por parte del usuario. A partir de los vóxeles seleccionados como semillas y sus vecindarios, la aplicación calcula algunas estadísticas (promedio de niveles de gris, máximo y mínimo y desvío estándar) que pueden ser de utilidad al operador del sistema para decidir la incorporación o eliminación de alguno de los puntos, o que pueden ser utilizadas para inferir manualmente la tolerancia del criterio de aceptación.

Otra consideración es la posibilidad de parametrizar la tolerancia del criterio de aceptación de vóxeles de manera automática. Para esto se proponen tres alternativas, basadas todas en vecindarios de tamaño W :

- Rango de intensidades de gris que toman los vóxeles en $S_w(r)$.
- Rango promedio de intensidades de gris, obtenido a partir de la media de los valores máximos y mínimos de intensidad de cada vóxel en $S_w(r)$.
- Desvío estándar de las intensidades de gris que toman los vóxeles en $S_w(r)$ [DEL08].

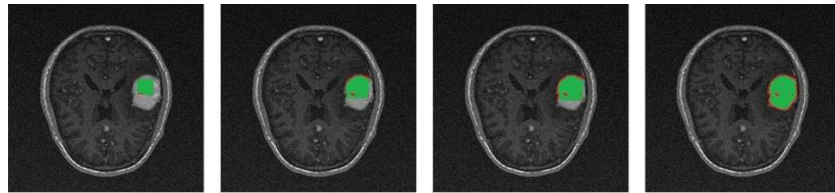


Fig. 3. Evolución de un proceso de segmentación por RG en un tumor cerebral de una MRI.

4 Extracción de características

Durante la etapa de extracción de características, los volúmenes segmentados son analizados a fin de obtener indicadores cuantitativos que permitan identificar o caracterizar a la región. En la subsección 4.1 se establece la forma en la que son obtenidos los indicadores de volumen y superficie de la ROI, mientras que en la subsección 4.2 se presenta el esquema de trabajo para la extracción de caracterizadores de textura.

4.1 Indicadores de volumen y superficie

Los valores de los indicadores de volumen y superficie se obtienen a través de una contabilización de los vóxeles que conforman el volumen segmentado o la frontera, respectivamente. Aunque la información no está dada en una unidad métrica conocida (cm^3 o cm^2 , por ejemplo), resulta útil para realizar comparaciones de tamaño en series temporales o entre órganos de diferentes pacientes.

4.2 Indicadores de textura

Los indicadores de textura se obtienen a partir de matrices de co-ocurrencia de niveles de gris (conocidas por su sigla en inglés, GLCMs) [HAR73]. Una GLCM es una matriz simétrica, la cual se construye considerando la relación entre pares de vóxeles para cada dirección, y tabulando la frecuencia de varias combinaciones de niveles de gris en la región de estudio. Inicialmente este tipo de matrices estaba pensado para ser calculado a partir de imágenes bidimensionales. En este trabajo se utilizó el enfoque propuesto en [MAH03], el cual considera también la relación entre los vóxeles en la dirección del eje z , a los efectos de cuantificar también la estructura de la textura en esa dirección.

Formalmente, considérense un par de vóxeles pertenecientes a un entorno de orden W de un vóxel y ubicados en una dirección d . El elemento $h_{d,w}(i,j)$ de la matriz de coocurrencia determina la cantidad de estos pares cuyos vóxeles toman los valores de gris i y j . Dada una imagen volumétrica $f(x,y,z)$, $h_{d,w}(i,j)$ se define de manera tal que cada entrada (i,j) es igual al número de veces que $f(x_1,y_1,z_1) = i$ y $f(x_2,y_2,z_2) = j$, donde $(x_2,y_2,z_2) = (x_1,y_1,z_1) + (d_x,d_y,d_z)$. Cuando se divide toda la matriz por el número total de pares en la imagen se obtiene la probabilidad conjunta $p_{d,w}(i,j)$ de co-ocurrencia de dos niveles de gris dados.

Sobre las matrices de coocurrencia se computan diferentes indicadores, los cuales representan alguna característica particular de la textura en estudio. Los indicadores utilizados en este trabajo son algunos de los presentados en [HAR73], y se listan en la tabla 1. El momento angular segundo (ASM) cuantifica la uniformidad de una textura, dando valores altos en regiones homogéneas y bajos en regiones que no lo son, mientras que el contraste cuantifica la variación local de las intensidades de los vóxeles del vecindario. La correlación, por su parte, es una medida de la dependencia lineal entre los niveles de gris de los vóxeles y su posición relativa respecto del resto. Por otro lado, la homogeneidad local cuantifica la similitud de los vóxeles. Otro de los indicadores utilizado, la entropía, registra la aleatoriedad de las intensidades de grises, tomando valores más altos en regiones más homogéneas. La probabilidad máxima, además, indica el par de intensidades más predominante en la imagen. Finalmente, la suma promedio mide el promedio de niveles de gris de la región, mientras que la varianza registra la variación de la distribución de niveles de gris en el entorno.

Table 1. Indicadores de textura calculados sobre las regiones segmentadas.

Indicador	Ecuación
Entropía	$-\sum_i \sum_j p(i,j) \log_{10} p(i,j)$
Angular Second Moment	$\sum_i \sum_j p^2(i,j)$

Contraste	$\sum_i^G \sum_j^G (i-j)^2 p(i,j)$
Homogeneidad local	$\sum_i^G \sum_j^G \frac{p(i,j)}{1+ i-j }$
Probabilidad máxima	$\max p(i,j)$
Correlación	$\sum_i^G \sum_j^G \frac{(i-\mu_i)(j-\mu_j)p(i,j)}{\sqrt{\sigma_i^2 \sigma_j^2}}$
Suma promedio	$\frac{1}{2} \sum_i^G \sum_j^G i \cdot p(i,j) + j \cdot p(i,j)$
Varianza	$\frac{1}{2} \sum_i^G \sum_j^G (i-\mu)^2 p(i,j) + (j-\mu)^2 p(i,j)$

El algoritmo de caracterización implementado calcula las matrices de co-ocurrencia para entornos de orden W alrededor de cada vóxel de la región segmentada para cada dirección d establecida por el usuario. De ellas se extraen los indicadores, utilizándose como valor característico del indicador en el vóxel la media del indicador en todas las direcciones. Finalmente, se construye el vector de características de textura \vec{c}_r de la ROI como un arreglo formado por los promedios que toma cada indicador en cada vóxel de la región. En la Fig. 4 se muestra el pseudocódigo correspondiente al algoritmo de caracterización de la textura.

Sea \vec{c}_r el vector característico de R

Por cada vóxel $v \in R$

Por cada dirección d

Calcular la matriz $h_{d,w}(v)$

Obtener el vector de indicadores \vec{c}_{v_i}

$\vec{c}_v =$ Promedio de los \vec{c}_{v_i}

$\vec{c}_r =$ Promedio de los \vec{c}_v

Fig. 4. Pseudocódigo del algoritmo de caracterización de texturas.

5 Resultados

5.1 Segmentación

El algoritmo fue testeado sobre imágenes de CT y MRI, para la segmentación de diferentes estructuras de interés.

En la Fig.5 se muestra el resultado de un proceso de segmentación aplicado sobre una CT para la extracción de hueso, el cual se obtuvo con los siguientes parámetros: $t = 25$, $p = 0.7$ y $w = 1$. Se utilizó una única semilla para inicializar el proceso, colocada en una de las vértebras. Según puede observarse en la figura, el resultado obtenido es muy aceptable, habiendo requerido una intervención mínima del usuario en la selección de la semilla y de los parámetros del criterio de aceptación de vóxeles.

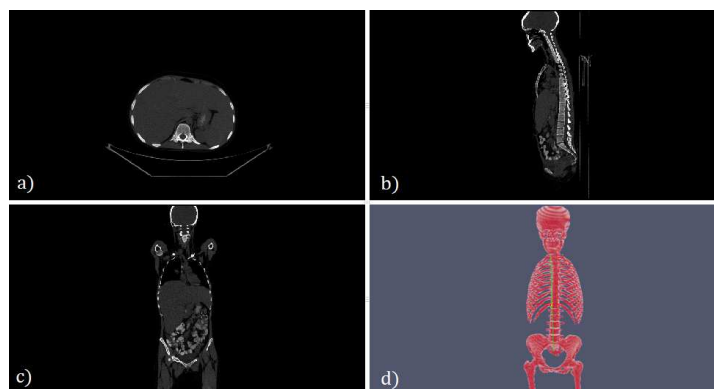


Fig. 5. Vistas axial (a), sagital (b) y coronal (c) de una imagen de CT y volumen segmentado correspondiente a la componente ósea (d).

En la Fig. 6 se presenta el volumen segmentado a partir de una imagen de CT con contraste de los riñones de un paciente, considerando $t = 25$, $p = 0.65$ y $w = 1$, con 4 semillas, 2 en cada riñón. Puede observarse que el algoritmo tuvo un desempeño adecuado en la segmentación de los órganos, aunque incorporó a la estructura los vasos de entrada a causa de su similitud en cuanto a niveles de gris en la imagen.

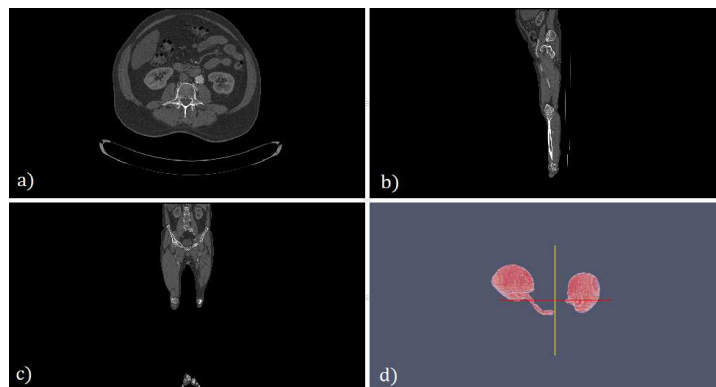


Fig. 6. Vistas axial (a), sagital (b) y coronal (c) de una imagen de CT y volumen segmentado correspondiente a los riñones (d).

5.2 Caracterización de regiones

El módulo de caracterización de regiones fue testeado sobre los volúmenes correspondientes a un tumor cerebral y al edema que lo rodea, segmentados ambos a partir de una imagen MRI cerebral tipo t2 (Fig. 7) utilizando el algoritmo presentado en este trabajo.

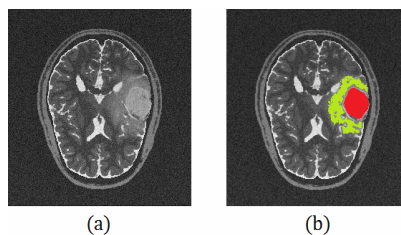


Fig. 7. MRI cerebral tipo t2 original (a) y con tumor y edema segmentados (b). En rojo se observa el tumor, segmentado con $t = 30$, $p = 0.70$ y $w = 1$, y en verde el edema segmentado con $t = 10$, $p = 0.70$ y $w = 1$.

Los indicadores morfológicos aplicados sobre las regiones arrojaron como resultado una superficie de 53747 y un volumen de 81577 vóxeles para el edema, y de 11872 y 52904 para el tumor, respectivamente.

En el caso de los caracterizadores de textura, fueron calculados a partir de matrices de coocurrencia computadas en las direcciones canónicas $(0,0,1)$, $(0,1,0)$, $(1,0,0)$, $(0,1,1)$, $(1,0,1)$, $(1,1,0)$ y $(1,1,1)$, y para cada uno de los indicadores. Los resultados se presentan en la tabla 2. Según puede verse, algunos de los indicadores de textura, como el ASM, la varianza, la suma promedio o la entropía, pueden resultar de utilidad para la discriminación de ambos tejidos o como información adi-

cional para enfoques de segmentación. Puede observarse que al variar el parámetro w , que determina el tamaño de la ventana de análisis, los valores calculados para cada indicador varían levemente. Sin embargo, en todos los casos, mantienen diferencias entre las dos estructuras segmentadas. Se puede apreciar que la varianza y la suma promedio son los indicadores que muestran mayor distancia.

Table 2. Valores de los caracterizadores para tumor y edema, segmentados a partir de una MRI. En el caso de los indicadores de textura, las GLCMs fueron computadas en las direcciones canónicas y para vecinos de orden 3, 4 y 5.

Caracterizador	Edema			Tumor		
	w=3	w=4	w=5	w=3	w=4	w=5
ASM	0.00469	0.00275	0.00193	0.00525	0.00334	0.00253
Contraste	0.00224	0.00248	0.00270	0.00225	0.00241	0.00255
Correlacion	0.00295	0.00328	0.00342	0.00261	0.00306	0.00335
Prob. Max.	0.01344	0.00926	0.00713	0.01496	0.01063	0.00841
Entropía	0.49253	0.54593	0.58306	0.48436	0.53129	0.56207
Homogeneidad	0.11183	0.11066	0.10973	0.12785	0.12646	0.12511
Suma prom.	96.5753	96.6479	96.6538	105.4743	105.0276	104.5718
Varianza	32772.10	32825.14	32825.35	40601.29	40278.49	39937.88

6 Conclusiones y trabajos futuros

En este trabajo se presentó un método para la segmentación de regiones de interés en imágenes médicas volumétricas basado en un algoritmo de crecimiento de regiones. Se han presentado algunos resultados de su aplicación en imágenes de CT y MRI en los cuales se puede apreciar que se ha detectado adecuadamente algunas estructuras como hueso y riñones, en imágenes de CT y tumores, en MRI.

Adicionalmente, se incorporaron facilidades para la extracción de características sobre los volúmenes segmentados, a través del cálculo de volumen y superficie, o de indicadores de textura basados en estadísticas de segundo orden, lo que puede resultar de utilidad tanto para la comparación de órganos o lesiones equivalentes como así también para la clasificación de tejidos. En el caso de los caracterizadores de textura, los resultados preliminares sobre MRI muestran su capacidad para la discriminación de tumores respecto a los tejidos que lo circundan. En un futuro se pretende desarrollar una estrategia híbrida para la segmentación de tumores en MRI, que incorpore al criterio de crecimiento de la región información acerca de la textura interna de la estructura segmentada, y que sirva a su vez como etapa inicial para un algoritmo basado en modelos deformables.

Referencias

[DEL08] del Fresno, M. "Contribuciones a la segmentación de regiones en imágenes digitales 2D y 3D". Tesis de doctorado. Departamento de Computación y Sistemas. Universidad Nacional del Centro de la Provincia de Buenos Aires, Tandil, Argentina, 2008.

- [DEL09] del Fresno M. Vénere M. Clausse A. "A combined region growing and deformable model method for extraction of closed surfaces in 3D CT and MRI scans", *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 33: 369-376, 2009.
- [DICOM] DICOM-Committee. *DICOM Standard*. Available: <http://medical.nema.org/>
- [FER11] Ferrante, E. del Fresno, M. Escobar, P. Massa, J. "Segmentación de MRI aplicada al análisis de la evolución de tumores en series temporalmente espaciadas". *Proceedings del Simposio Argentino de Informática y Salud*, 40 JAIIO. p. 124-130, ISSN: 1853-1881. Córdoba, Argentina, 2011.
- [HAR73] Haralick, R. Shanmugam, K. Dinstein, I. "Textural features for Image Classification". *IEEE Transactions on Systems, Man and Cybernetics*. Vol. SMC-3, No. 6. pp. 610-621. 1973.
- [MAH03] Mahmoud-Ghoneim, D. et al. "Three dimensional texture analysis in MRI: a preliminary evaluation in gliomas". *Magnetic Resonance Imaging* 21 983-987. 2003.
- [PHA98] Pham D., Xu C., Prince J. "A Survey of Current Methods in Medical Image Segmentation". *Annual Review of Biomedical Engineering*. 1-27. 1998.
- [PRA09] Prastawa, M. Bullitt, E. Gerig, G. "Simulation of Brain Tumors in MR Images for Evaluation of Segmentation Efficacy". *Medical Image Analysis (MedIA)*, Vol 13, No 2, April, Pages 297-311, 2009.